动 物 学 研 究 2004, Dec. 25 (6): 515-521 CN 53-1040/Q ISSN 0254-5853
Zoological Research

# 后丽盲蝽属作为属级分类单元的DNA分子证据

齐宝瑛[1,2], 郑哲民[3], 任洪宝[2], 金 洪[4], 照日格图[5]

(1. 内蒙古大学 生命科学学院, 内蒙古 呼和浩特 010020;
2. 内蒙古师范大学 生命科学与技术学院昆虫研究所, 内蒙古 呼和浩特 010022;
3. 陕西师范大学 生命科学学院动物研究所, 陕西 西安 710062;
4. 内蒙古农业大学 生态环境学院, 内蒙古 呼和浩特 010021;
5. 美国密西西比州立大学 昆虫与植物病理学系, 密西西比 39762-9775)

**摘要:** 用蛋白酶K消化法提取并正反链双向测得半翅目盲蝽科盲蝽族(Mirini)中后丽盲蝽属(*Apolygus*)和草盲蝽属(*Lygus*)9个种的线粒体DNA细胞色素*b*基因片段的序列, 应用Mega计算该两个属7个种11个Cyt *b* 432 bp片段序列的碱基组成、核苷酸的种间变异率、所编码的144个氨基酸的变异率。其核苷酸变异率: 后丽盲蝽属内小于0.02, 草盲蝽属内小于0.08(个别种例外); 两个属种类之间平均变异率都大于0.10, 平均为0.15。氨基酸变异率: 后丽盲蝽属内种间无变异, 而草盲蝽属内只有*L. gemellatus*与其他种间有13个氨基酸变异, 仅占9.03%; 两属各种类间却存在8~11个氨基酸的变异。表明在分子水平上两属之间较之于属内种间具有明显的差异, 支持将后丽盲蝽从亚属提升为属级分类单元的分类观点。

**关键词:** 细胞色素*b*基因; 后丽盲蝽属; 草盲蝽属; 盲蝽族; 分类; DNA分子证据
**中图分类号:** Q969.357.6 **文献标识码:** A **文章编号:** 0254-5853(2004)06-0515-07

# A DNA Molecular Evidence for *Apolygus* China as a Generic Taxon (Hemiptera: Heteroptera: Miridae)

QI Bao-ying[1,2], ZHENG Zhe-min[3], REN Hong-bao[2], JIN Hong[4], CHEN Jorigtoo[5]

(1. *College of Life Sciences, Inner Mongolia University, Hohhot* 010022, *China*;
2. *Institute of Entomology, College of Life Sciences & Technology, Inner Mongolia Normal University, Hohhot* 010022, *China*;
3. *Institute of Zoology, College of Life Sciences, Shaanxi Normal University, Xi'an* 710062, *China*;
4. *College of Ecology & Environment, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot* 010021, *China*;
5. *Department of Entomology & Plant Pathology, Mississippi State University, MS* 39762-9775, *USA*)

**Abstract:** Sequences of the Cyt *b* gene segments on mitochondrial DNA of 9 species of *Apolygus* China and *Lygus* Hahn (Heteroptera: Miridae: Mirinae: Mirini) were extracted by means of protease K digesting and sequenced to both directions. Nucleotide composition, nucleotide variation ratio between species as well as variation ratio of 144 amino acid coded by 11 segments of 433 bp of the 9 species from the two genera were calculated using phylogenetic analyzing software package Mega. Nucleotide variation ratio: less than 0.02 within *Apolygus* and less than 0.08 within *Lygus* (with the exception of a few species) but more than 0.10 between species of the two groups with the average variation of 0.15. Variation ratio of the amino acid: no difference among the species within *Apolygus* and *Lygus* themselves with only an exception of a difference of 13 amino acid between *L. gemellatus* and other species within *Lygus*, but there is stably a variation of 8 to 11 amino acids, i.e.a 5.6% to 7.6% variation between any species examined of *Apolygus* and that of *Lygus*. It is proved that there has been existed distinct difference between these two groups at molecular level and they separated very well, which strongly supports the taxonomic opinion that *Apolygus* is promoted to a generic taxon.

收稿日期: 2004-05-31; 接受日期: 2004-09-22
基金项目: 国家自然科学基金资助项目(30460024); 内蒙古自治区高等学校重点项目(2001026); 内蒙古自治区人才开发基金(2003); 内蒙古大学生物学博士后流动站科研基金资助项目
第一作者简介: 齐宝瑛(1959-), 男, 理学博士, 教授, 从事昆虫系统分类学研究。E-mail: baoyingqi@public.hh.nm.cn

**Key words**: Cyt *b* gene; *Apolygus*; *Lygus*; Mirini; Taxon; DNA molecular evidence

自China于1941年在盲蝽族中建立后丽盲蝽亚属（*Apolygus*）以来，该亚属的分类地位几经变更。Carvalho（1959）在他的世界盲蝽科名录中把*Apolygus*放到丽盲蝽属（*Lygocoris*）中。之后Wagner et al（1964）将其移入草盲蝽属（*Lygus*），作为该属的一个亚属（Wagner & Weber，1964）。再后，Kerzhner（1972，1988）、Kerzhner & Josifov（1999）、Yasunaga（1991，1992a，b）、Lu & Zheng（1998）又作过多次修订，而近年Yasunaga & Yasunaga（2000）已经将*Apolygus*属作为盲蝽族（Mirini）的一个独立属级单元记载。这些变更和修订都是依据形态特征，并无分子生物学方面的证据。我们以线粒体DNA中细胞色素*b*（Cyt *b*）基因片段作为分子标记，对*Apolygus*属和盲蝽族中与其关系最近的、最为古老和典型的类群之一——*Lygus*属部分种类的基因序列进行分析比较，以期在分子水平上为*Apolygus*的分类地位提出一些证据。

## 1 材料与方法

所采用的7个种的30号盲蝽标本材料由作者及其同事于2000年8月—2002年8月采自我国内蒙古自治区、甘肃、陕西、山东省以及蒙古国的乌兰巴托市，并由作者科学分类鉴定，详见表1。取出纯酒精浸泡的标本，去除腹部（以免腹中内含物影响实验结果），留下头部及胸部，以蛋白酶K消化法提取线粒体DNA，并用琼脂糖凝胶电泳法及测定OD值的方法检测其纯度和浓度。应用Simon（1994）设计的昆虫通用引物对目标基因片段进行扩增，引物序列及其长度分别为5′-TATGTACTACCATGAGGACAAATATC-3′ 和 5′-ATTACACCTCCTAATTTATTAGGAAT-3′。扩增产物委托上海博亚生物技术有限公司（BioAsia）使用小剂量回收试剂盒回收提纯，并用ABI 377型全自动序列分析仪进行正反链双向测序。采用系统发育分析软件包DnaStar（version 5.01，DnaStar Inc.，1993－2001）以及Mega（version 2.1）（Kumra et al，2001）软件对序列进行比较和分析，基于Kimura系数模型，根据11条Cyt *b*基因432 bp片段序列，以一致性序列作为原始单元为系统树赋根，构建*Apolygus*与*Lygus*两属7个种的Neighbor-Joining（NJ）分子系统进化树，并且以“Boot strap of Phylogeny”以1 000次重复作出各个分支的置信度。

## 2 结果与分析

通过提取、对目的基因片段的PCR扩增、纯化

**表1 本研究所用7个种的采集时间、地点及其11条Cyt *b*基因片段序列的登录号**

**Table 1 Accession numbers of 11 unique Cyt *b* sequences, and locality and date of 7 species used in the present study**

| 种类 Species | 编号 No. | 采集地 Collecting locality | 采集时间 Collecting date | GenBank 登录号 Accession no. | 相同序列数 No. of seqences |
|---|---|---|---|---|---|
| *A. lucorum* | | 内蒙古 Inner Mongolia, China | Aug., 2000 | Bankit543756 AY327430 | 2 |
| *A. rhamnicola* | 1 | 陕西省 Shaanxi, China | Sept., 2001 | Bankit543762 AY327431 | 1 |
| *A. rhamnicola* | 2 | 山东省 Shandong, China | June, 2001 | Bankit552905 AY327432 | 1 |
| *A. rhamnicola* | 3 | 山东省 Shandong, China | June, 2001 | Bankit543764 AY327433 | 1 |
| *A. spinolai* | | 内蒙古 Inner Mongolia, China | July, 2002 | Bankit543766 AY327434 | 1 |
| *L. adspersus* | 1 | 内蒙古 Inner Mongolia, China | Aug., 2000 | Bankit552907 AY327435 | 2 |
| | | 蒙古国 Ulaanbaatar, Mongolia | Aug., 2001 | | 1 |
| *L. adspersus* | 2 | 内蒙古 Inner Mongolia, China | Aug., 2000 | Bankit552909 AY327436 | 1 |
| *L. alashanensis* | | 甘肃省 Gansu, China | Aug., 2002 | Bankit543768 AY327437 | 1 |
| *L. gemellatus* | | 内蒙古 Inner Mongolia, China | July, 2002 | Bankit552911 AY327438 | 1 |
| *L. rugulipennis* | 1 | 甘肃省 Gansu, China | Aug., 2002 | Bankit543772 AY327439 | 1 |
| *L. rugulipennis* | 2 | 甘肃省 Gansu, China | Aug., 2002 | Bankit543774 AY327440 | 1 |

和测序，从被试材料中获得了 14 条 Cyt *b* 基因片段的序列，每条序列的长度为 485 bp。去除两端引物部分，该 Cyt *b* 基因片段的实际长度为 433 bp。使用软件包 DnaStar 进行比对之后，区分出 7 个种的 11 条 Cyt *b* 基因片段的不同序列（表 1），各个序列的多态性位点列于表 2。通过比对分析确定每条序列的第 1 位碱基为三联体密码子的第 3 位点，所以参加分析的序列应从其第 2 位点开始，实际长度为 432 bp。

应用分子系统分析软件包 Mega 计算该两个属 7 个种 11 个 Cyt *b* 432 bp 片段序列的碱基组成，在 *Apolygus* 属中 A、T、C、G 4 种碱基的平均含量分别为 34.7%、37.3%、15.5%、12.5%，A + T 平均含量高达 72.0%，C + G 为 28.0%；三个碱基位点上，A + T含量分别为60.9%、67.4%和87.8%；在 *Lygus* 属中分别为 33.2%、34.4%、18.9%、13.5%，A + T 达 67.6%，而 C + G 为 32.4%；三个碱基位点上，A + T含量分别为58.5%、67.1 %

**表 2　*Lygus* 和 *Apolygus* Cyt *b* 基因片段序列和多态性位点**

**Table 2　Polymorphic sites in the sequences of 432 bp segment of Cyt *b* gene**

| 种类<br>Individual name | 序列及多态性位点<br>Polymorphic sites in the sequences |
|---|---|
| | 111111 1111111111 1111111111 11111112 |
| | 1111222 3445556677 8899000012 2222333334 4555555667 77888990 |
| | 2470369259 7130572949 2847367921 2457034796 8123478392 68127698 |
| Consensus | TAAACAATTT TTATTATATG ATATCCCATC ACTATTTTAA TTAGAAATTT TATTCAAA |
| *A.lucorum* | ...TAG...C ...C.....A T.....T... .A.....A.. .......... ........ |
| *A.rhamnicola* 1 | ...TAG...C ...C.....A T.....T... .A.....A.. .......... .....G.. |
| *A.rhamnicola* 2 | ...TAG...C ...C.....A T.....T... .A.....A.. .......... ........ |
| *A.rhamnicola* 3 | ...TAG...C ...C.....A T.....T... .A.....A.. .......... ........ |
| *A.spinolai* | ...TAG...C ...C....CA T.....T... .A.....A.. .......... ........ |
| *L.adspersus* 1 | CGG...T... .......... ..G.A..GCT ..C.C...GG ACGCT.TG.C CTCC..T. |
| *L.adspersus* 2 | .GG...T... .......... ..G.A..GCT ..C.C...GG ACGCT.TG.C CTCC.GT. |
| *L.alashanensis* | C.....G... .C..A..... .C..A..... ....CCC..G ACGCT.TA.C CTCC.GT. |
| *L.gemellatus* | .......CA. AGT.CCCC.. ...A.A.T.T G.C....... C....T.AC. ....TG.T |
| *L.rugulipennis* 1 | CGG...T... .......... ..G.A..GCT ..C.C...GG ACGCT.TG.C CTCC..T. |
| *L.rugulipennis* 2 | CGG...T... .......... ..G.A..GCT ..CGC...GG ACGCT.TG.C CTCC..T. |
| | 2222222222 2222222222 2333333333 3333333333 3333333333 44444444 |
| | 1112344455 6677888899 9000111122 2333444556 6667778888 00112223 |
| | 1573814703 2547167924 8578346925 9127039581 4783690258 67584573 |
| Consensus | ATAATACCAT CGAGATACAA AAATTTAAGT AACATATCTA TATGCAGGTT CTATTCTA |
| *A.lucorum* | .......T.. T.GAT..... ...C...... T..G...... .......... T.T....T |
| *A.rhamnicola* 1 | .......... T.GAT..... ...C.C...C T..G...... C......... T.T....T |
| *A.rhamnicola* 2 | .......T.. T.GAT..... ...C....A. T..G...... .......... T.T....T |
| *A.rhamnicola* 3 | .......T.. T.GAT..... ...C...... T..G...... .......... T.T....T |
| *A.spinolai* | ......TT.. TAGAT..... ..G......C T..G...... ..C....... T.T....T |
| *L.adspersus* 1 | ..G.C..... .....C.T.T .T..C...A. ..T.....AC CT.A...AC. .C.C..A. |
| *L.adspersus* 2 | ..G.C..... .....C.T.T .T..C..... ..T.....AC CT.A....C. .C.C..A. |
| *L.alashanensis* | G...CGTT.. .....C...T GT........ .G......GT CTCA...AC. .C..CTG. |
| *L.gemellatus* | .A.T.CT.TC ......GTT. .....CTG.. ..T.CTCT.T ...CTCAT.C ....CTA. |
| *L.rugulipennis* 1 | ..G.C..... .....C.T.T .T..C...A. ..T.....AC .T.A...AC. .C.C..A. |
| *L.rugulipennis* 2 | ..G.C..... .....C.T.T .T..C...A. ..T.....AC .T.A...AC. .C.C..A. |

和77.0%。两个属均显示出第三碱基位点A+T含量最高的趋势，而且 *Apolygus* 属较 *Lygus* 属高10.8%（表3）。

比较分析表明，无论是 *Apolygus* 属还是 *Lygus* 属的种类，其Cyt *b* 432 bp片段序列的多态性位点主要发生在三联体密码子的第3位点上，分别为14.6%和34.8%；而在第2位点最少，仅分别为1.0 %和1.3 %(表4)。表明第2碱基位点在三联

**表3 *Lygus* 和 *Apolygus* Cyt *b* 基因433 bp片段序列的核苷酸组成**

**Table 3 Nucleotide composition of Cyt *b* 433 bp sequences of genera *Apolygus* and *Lygus* (%)**

| 种类 Species | 核苷酸组成 Nucleotide composition | | | | 第一位点 1st site | | | | 第二位点 2nd site | | | | 第三位点 3rd site | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | A | T | C | G | $A_1$ | $T_1$ | $C_1$ | $G_1$ | $A_2$ | $T_2$ | $C_2$ | $G_2$ | $A_3$ | $T_3$ | $C_3$ | $G_3$ |
| *A. lucorum* | 34.7 | 37.5 | 15.3 | 12.5 | 29.9 | 31.3 | 18.8 | 20.1 | 25.7 | 41.7 | 20.1 | 12.5 | 48.6 | 39.6 | 6.9 | 4.9 |
| *A. rhamnicola* 1 | 34.5 | 36.6 | 16.2 | 12.7 | 29.9 | 30.6 | 19.4 | 20.1 | 25.7 | 41.7 | 20.1 | 12.5 | 47.9 | 37.5 | 9.0 | 5.6 |
| *A. rhamnicola* 2 | 35.0 | 37.5 | 15.3 | 12.3 | 29.9 | 31.3 | 18.8 | 20.1 | 25.7 | 41.7 | 20.1 | 12.5 | 49.3 | 39.6 | 6.9 | 4.2 |
| *A. rhamnicola* 3 | 34.7 | 37.5 | 15.3 | 12.5 | 29.9 | 31.3 | 18.8 | 20.1 | 25.7 | 41.7 | 20.1 | 12.5 | 48.6 | 39.6 | 6.9 | 4.9 |
| *A. spinolai* | 34.7 | 37.3 | 15.5 | 12.5 | 29.9 | 30.6 | 19.4 | 20.1 | 25.7 | 41.7 | 20.1 | 12.5 | 48.6 | 39.6 | 6.9 | 4.9 |
| ***Apolygus* (Avg.)** | **34.7** | **37.3** | **15.5** | **12.5** | **29.9** | **31.0** | **19.0** | **20.1** | **25.7** | **41.7** | **20.1** | **12.5** | **48.6** | **39.2** | **7.4** | **4.9** |
| *L. adspersus* 1 | 33.3 | 34.0 | 19.2 | 13.4 | 27.8 | 30.6 | 20.1 | 21.5 | 25.0 | 42.4 | 20.8 | 11.8 | 47.2 | 29.2 | 16.7 | 6.9 |
| *L. adspersus* 2 | 32.6 | 34.3 | 19.0 | 14.1 | 27.8 | 31.3 | 19.4 | 21.5 | 25.0 | 42.4 | 20.8 | 11.8 | 45.1 | 29.2 | 16.7 | 9.0 |
| *L. Alashanensis* | 33.3 | 33.3 | 19.4 | 13.9 | 27.8 | 29.2 | 21.5 | 21.5 | 25.0 | 42.4 | 20.8 | 11.8 | 47.2 | 28.5 | 16.0 | 8.3 |
| *L. gemellatus* | 33.3 | 36.1 | 17.8 | 12.7 | 30.6 | 29.9 | 18.1 | 21.5 | 24.3 | 41.7 | 21.5 | 12.5 | 45.1 | 36.8 | 13.9 | 4.2 |
| *L. rugulipennis* 1 | 33.3 | 34.3 | 19.0 | 13.4 | 27.8 | 30.6 | 20.1 | 21.5 | 25.0 | 42.4 | 20.8 | 11.8 | 47.2 | 29.9 | 16.0 | 6.9 |
| *L. rugulipennis* 2 | 33.1 | 34.3 | 19.0 | 13.7 | 27.8 | 30.6 | 20.1 | 21.5 | 25.0 | 42.4 | 20.8 | 11.8 | 46.5 | 29.9 | 16.0 | 7.6 |
| ***Lygus* (Avg.)** | **33.2** | **34.4** | **18.9** | **13.5** | **28.2** | **30.3** | **19.9** | **21.5** | **24.9** | **42.2** | **20.9** | **11.9** | **46.4** | **30.6** | **15.9** | **7.2** |

**表4 *Lygus* 和 *Apolygus* Cyt *b* 基因432 bp片段的多态性和信号位点数**

**Table 4 Numbers of polymorphic and informative sites of Cyt *b* 432 bp sequences of *Apolygus* and *Lygus***

| 种类 Species | 多态性位点数 Polymorphic sites | | | | 信号位点数 Informative sites | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 1st | 2nd | 3rd | Total | 1st | 2nd | 3rd | Total |
| 1. *A. lucorum* | 9 | 1 | 13 | 23 | — | — | — | — |
| 2. *A. rhamnicola* 1 | 10 | 1 | 17 | 28 | — | — | — | — |
| 3. *A. rhamnicola* 2 | 9 | 1 | 14 | 24 | — | — | — | — |
| 4. *A. rhamnicola* 3 | 9 | 1 | 13 | 23 | — | — | — | — |
| 5. *A. spinolai* | 10 | 1 | 16 | 27 | — | — | — | — |
| ***Apolygus* (Avg.)** | **9.4** | **1.0** | **14.6** | **25.0** | — | — | — | — |
| 6. *L. adspersus* 1 | 8 | 1 | 35 | 44 | — | — | — | — |
| 7. *L. adspersus* 2 | 7 | 1 | 33 | 41 | — | — | — | — |
| 8. *L. alashanensis* | 11 | 1 | 33 | 45 | 1 | — | 5 | 6 |
| 9. *L. gemellatus* | 10 | 3 | 41 | 54 | 5 | 3 | 22 | 30 |
| 10. *L. rugulipennis* 1 | 8 | 1 | 33 | 42 | — | — | — | — |
| 11. *L. rugulipennis* 2 | 8 | 1 | 34 | 43 | — | — | 1 | 1 |
| ***Lygus* (Avg.)** | **8.7** | **1.3** | **34.8** | **44.8** | **1.0** | **0.5** | **4.7** | **6.2** |

表 5　*Lygus* 和 *Apolygus* Cyt *b* 基因 432 bp 片段核苷酸的变异率（左下角）和变异数（右上角）

Table 5　Nucleotide variation ratio (below the diagonal) and variation number (above the diagonal) of 432 bp segment of Cyt *b* gene of *Apolygus* and *Lygus*

| 种类 Species | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1. *A. lucorum* | | 5 | 1 | — | 7 | 66 | 64 | 65 | 70 | 65 | 66 |
| 2. *A. rhamnicola* 1 | 0.01 | | 6 | 5 | 10 | 47 | 63 | 66 | 69 | 66 | 69 |
| 3. *A. rhamnicola* 2 | — | 0.01 | | 1 | 8 | 65 | 65 | 66 | 71 | 64 | 65 |
| 4. *A. rhamnicola* 3 | — | 0.01 | — | | 7 | 66 | 64 | 65 | 70 | 65 | 66 |
| 5. *A. spinolai* | 0.02 | 0.02 | 0.02 | 0.02 | | 71 | 69 | 66 | 73 | 70 | 71 |
| 6. *L. adspersus* 1 | 0.15 | 0.11 | 0.15 | 0.15 | 0.16 | | 4 | 34 | 78 | 1 | 2 |
| 7. *L. adspersus* 2 | 0.15 | 0.15 | 0.15 | 0.15 | 0.16 | 0.01 | | 34 | 75 | 5 | 6 |
| 8. *L. alashanensis* | 0.15 | 0.15 | 0.15 | 0.15 | 0.15 | 0.08 | 0.08 | | 76 | 35 | 36 |
| 9. *L. gemellatus* | 0.16 | 0.16 | 0.16 | 0.16 | 0.17 | 0.18 | 0.17 | 0.18 | | 77 | 78 |
| 10. *L. rugulipennis* 1 | 0.15 | 0.15 | 0.15 | 0.15 | 0.16 | — | 0.02 | 0.08 | 0.18 | | 1 |
| 11. *L. rugulipennis* 2 | 0.15 | 0.16 | 0.15 | 0.15 | 0.16 | — | 0.02 | 0.08 | 0.18 | — | |

表 6　*Lygus* 和 *Apolygus* Cyt *b* 基因 432 bp 片段编码氨基酸的变异率（左下角）和变异数（右上角）

Table 6　Variation ratio (below the diagonal ) and variation number (above the diagonal) of amino acid coded from 432 bp segment of Cyt *b* gene of *Apolygus* and *Lygus*

| 种类 Species | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1. *A. lucorum* | | — | — | — | — | 0.056 | 0.056 | 0.056 | 0.076 | 0.056 | 0.056 |
| 2. *A. rhamnicola* 1 | — | | — | — | — | 0.056 | 0.056 | 0.056 | 0.076 | 0.056 | 0.056 |
| 3. *A. rhamnicola* 2 | — | — | | — | — | 0.056 | 0.056 | 0.056 | 0.076 | 0.056 | 0.056 |
| 4. *A. rhamnicola* 3 | — | — | — | | — | 0.056 | 0.056 | 0.056 | 0.076 | 0.056 | 0.056 |
| 5. *A. spinolai* | — | — | — | — | | 0.056 | 0.056 | 0.056 | 0.076 | 0.056 | 0.056 |
| 6. *L. adspersus* 1 | 8 | 8 | 8 | 8 | 8 | | — | — | 0.076 | — | — |
| 7. *L. adspersus* 2 | 8 | 8 | 8 | 8 | 8 | — | | — | 0.090 | — | — |
| 8. *L. alashanensis* | 8 | 8 | 8 | 8 | 8 | — | — | | 0.090 | — | — |
| 9. *L. gemellatus* | 11 | 11 | 11 | 11 | 11 | 11 | 13 | 13 | | 0.090 | 0.090 |
| 10. *L. rugulipennis* 1 | 8 | 8 | 8 | 8 | 8 | — | — | — | 13 | | — |
| 11. *L. rugulipennis* 2 | 8 | 8 | 8 | 8 | 8 | — | — | — | 13 | — | |

体密码中是最为保守的。在 *Apolygus* 属 Cyt *b* 基因片段中平均多态位点为 25 个，而在 *Lygus* 属中为 44.8 个，约是前者的二倍。在 *Apolygus* 属 Cyt *b* 基因片段中无信号位点；而在 *Lygus* 属中则平均有 6.2 个信号位点，该属的 *L. gemellatus* 信号位点数更加明显。这都表明 *Lygus* 属较 *Apolygus* 属具有更大的分异趋势。

Cyt *b* 基因 432 bp 片段序列核苷酸的种间变异率，*Apolygus* 属内小于 0.02，*Lygus* 属内小于 0.08（*L. gemellatus* 与其他种间例外）；但是两个属种类之间平均变异率都大于 0.10，平均为 0.15（表 5）。表明在分子水平上两属之间较之于属内种间具有明显的差异。基于对 Cyt *b* 基因 432 bp 片段序列分析发现，*A. lucorum* 与 *A. rhamnicola* 变异率 ≤ 0.01，几乎没有区别。故提出 *A. lucorum* (Meyer-Duer, 1843) = *A. rhamnicola* (Reuter, 1885) 的修订建议。

运用 Mega 分别统计两属各自种类之间由 Cyt *b* 432 bp 序列所编码的 144 个氨基酸的变异数，其结果为：*Apolygus* 属内种之间无氨基酸变异，而 *Lygus* 属内只有 *L. gemellatus* 与其他种间具有 13 个氨基酸变异，仅占 9.03%。但是 *Apolygus* 与 *Lygus* 两

属各种类之间却总是存在8～11个氨基酸的变异(表6、图1)。这也是将两属分开的又一有力的分子生物学证据。

基于Kimura系数模型，根据11条Cyt *b*基因432 bp片段序列建立*Apolygus*与*Lygus*两属7个种的NJ分子系统进化树（图2）。从图中可清楚地看出参与分析的种类以100%的置信度明确地分为2个支系，一支由*Lygus*属的种类组成，而另一支则由*Apolygus*属的种类组成。

## 3 结 论

本项研究表明，*Apolygus*属在线粒体DNA Cyt *b*基因片段的特征上与*Lygus*属存在着明显的差异，所以笔者支持Yasunaga & Yasunaga（2000）将*Apolygus*属作为盲蝽族的一个独立属级单元的观点。

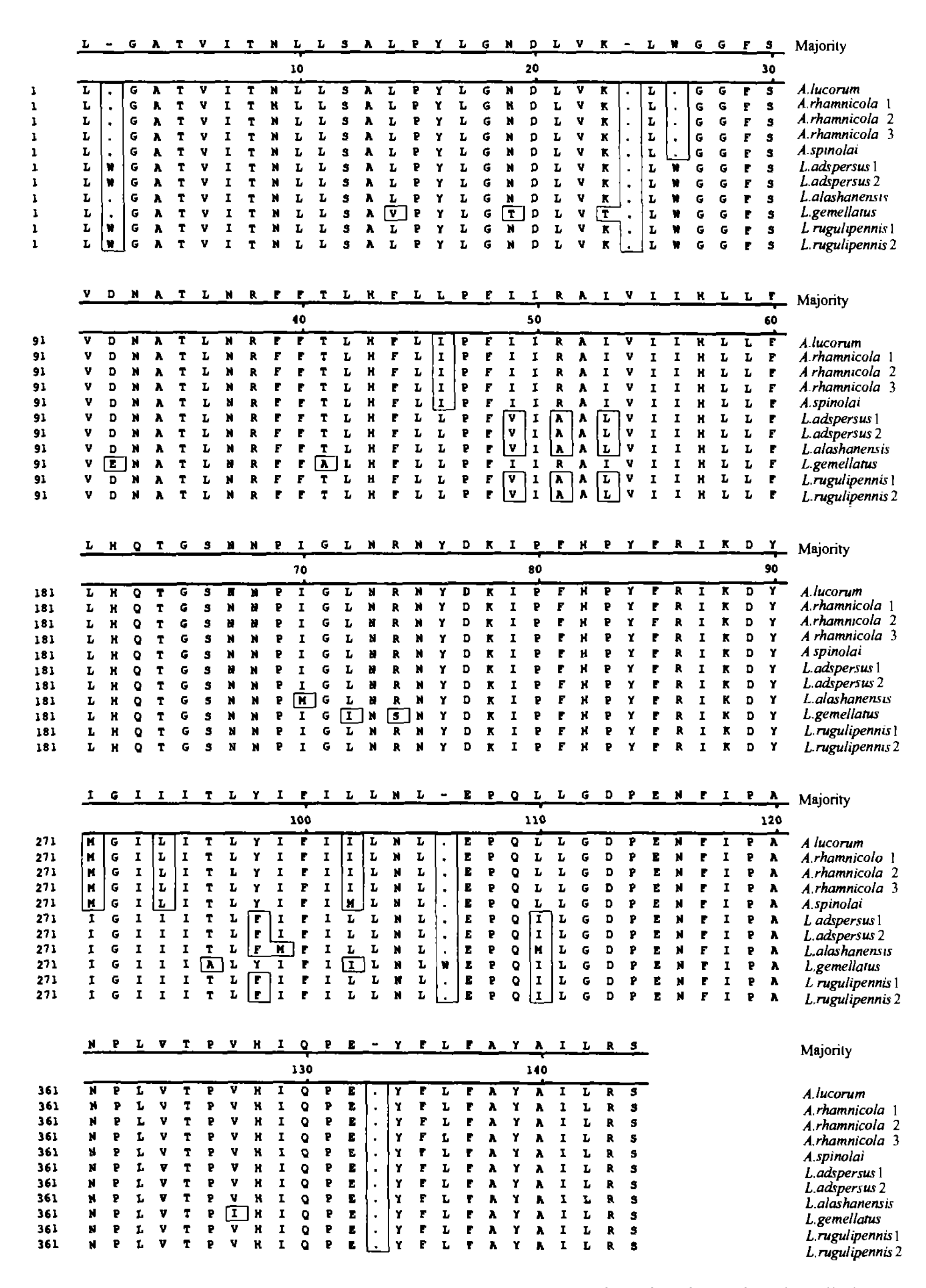


图1 *Lygus*和*Apolygus* Cyt *b*基因432 bp片段编码氨基酸的变异位点

Fig.1 Variant sites of ammonia acid coded from 432 bp segment of Cyt *b* gene in *Apolygus* and *Lygus*

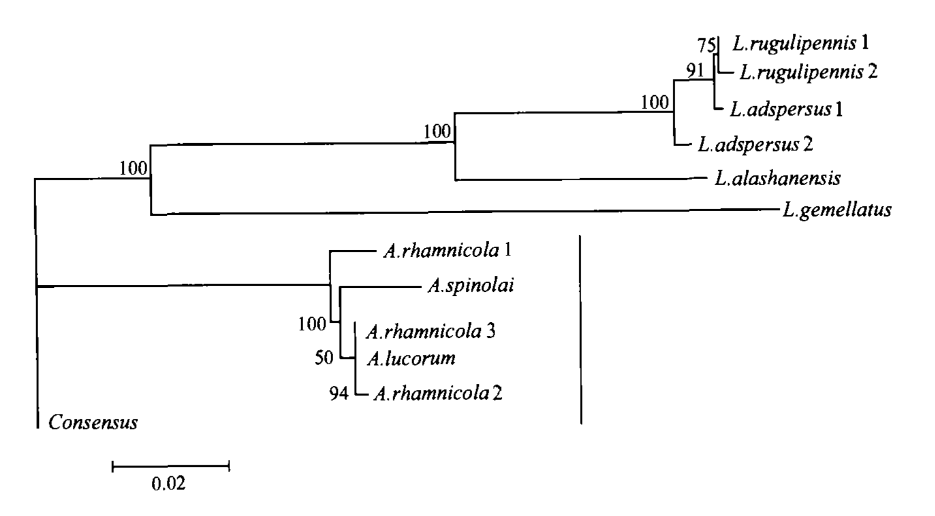



图2　根据mtDNA Cyt *b* 基因片段序列构建的*Lygus*和*Apolygus* 7种盲蝽的NJ分子系统进化树

Fig.2　Neighbor-Joining (NJ) cladogram of molecular phylogeny of 7 species of *Apolygus* and *Lygus* established on the sequences of 432 bp segment of Cyt *b* gene of mitochondrial DNA

**致谢**：烟台师范学院王晓安博士提供部分烟台的昆虫标本；内蒙古师范大学生命科学与技术学院研究生白小栓、史丽在标本采集过程中做了大量工作，一并致谢！

## 参考文献：

China WE. 1941. A new subgeneric name for *Lygus* Reuter 1875 nec Hahn 1833 (Hemiptera: Heteroptera) [J]. *Proc. R. Entomol. Soc. Landon* (B), **10**: 61.

Carvalho JCM. 1959. A catalogue of the Miridae of the world [J]. *Arq. Mus. Nac., Rio. de Janeiro*, **48**: 298-384.

Kerzhner IM. 1972. New and little known Heteroptera from the far east of the USSR [J]. *Trudy Zool. Inst. Akad. Nauk SSSR*, **52**: 276-295.

Kerzhner IM. 1988. Miridae [A]. In: Ler PA. Key to the Insects of the Far East of the USSR, Vol. 2 [M]. Vladivostok: Nauka, Leningrad.

Kerzhner IM, Josifov M. 1999. Cimicomorpha Ⅱ [A]. In: Aukema B, Rieger Ch. Catalogue of the Heteroptera of the Palaearctic Region, Vol. 3 [M]. 1-577. Wageningen: Ponsen & Looijen.

Kumra SK, Tamura K, Jakobsen IB, Nei M. 2001. MEGA2: Molecular evolutionary genetics analysis software [J]. *Bioinformatics*, **17**: 1244-1245.

Lu N, Zheng LY. 1998. Identity of some "*Lygus*" species described from Taiwan by B. Poppius (Heteroptera: Miridae) [J]. *Tifdschrift voor Entomologie*, **140**: 158-190.

Simon C, Frati F, Beckenbach A, Crespi B, Liu H, Flook PK. 1994. Evolution, weighting and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers [J]. *Ann. Entomol. Soc. Am.*, **87**: 651-701.

Wagner E, Weber HH. 1964. Fauna de France (Heteroptera: Miridae), Vol.67 [M]. 1-592. Paris: Federation Francaise Des Societes De Sciences Naturelles.

Yasunaga T. 1991. A revision of the plant bug, genus *Lygocoris* Reuter from Japan, Part Ⅰ (Heteroptera, Miridae, *Lygus*-complex) [J]. *Jpn. J. Entomol.*, **59**: 435-448.

Yasunaga T. 1992a. A revision of the plant bug genus *Lygocoris* Reuter from Japan, Part Ⅵ (Heteroptera, Miridae, *Lygus* complex) [J]. *Jpn. J. Entomol.*, **60**: 521-537.

Yasunaga T. 1992b. A revision of the plant bug genus *Lygocoris* Reuter from Japan, Part Ⅳ (Heteroptera, Miridae, *Lygus* complex) [J]. *Jpn. J. Entomol.*, **60**: 10-25.

Yasunaga T, Yasunaga M. 2000. Eight new species of the mirine genus *Apolygus* China (Heteroptera: Miridae) from Japan [J]. *Biogeography*, **2**: 81-92.